

# GIRMを用いたトラス構造物の最適部材配置設計

石田良平<sup>1</sup>・佐藤鉄司<sup>2</sup>・杉山吉彦<sup>3</sup>

<sup>1</sup>正会員 工博 大阪府立大学講師 工学部航空宇宙工学科 (〒593 堺市学園町1-1)

<sup>2</sup>非会員 工修 日立造船(株) 物流搬送事業部 (〒544 大阪市此花区桜島1-3-40)

<sup>3</sup>非会員 工博 大阪府立大学教授 工学部航空宇宙工学科 (〒593 堺市学園町1-1)

本論文では、免疫ネットワークモデルに基づいて提案されたIRMとGAとを組み合わせたGIRMの工学的応用について述べている。具体的には、トラス構造物の最小重量(質量)を与える最適設計問題にGIRMを適用し、その有効性を確認すると共に、単純GAによる最適解探索プロセスと比較する。なお、トラス構造物は、節点ならびに垂直および水平部材の配置があらかじめ決められているものとし、設計対象は、構造物を安定させるための斜材の決定および部材の断面積である。なお、制約条件として引張および圧縮許容応力に基づく全応力制約および圧縮力を受ける部材に対しての座屈制約を採用し、それぞれの場合について最小重量設計例を示す。

**Key Words :** structural analysis, optimum design, optimization algorithm, genetic algorithm, immune recruitment mechanism, genetic immune recruitment mechanism, truss structure.

## 1. 緒言

遺伝的アルゴリズム(GA)<sup>1)</sup>は、生物進化にヒントを得たシステムの最適化アルゴリズムの一つとして、注目され、構造工学などに応用されている。GAでは、システムパラメータをコーディングした染色体の集団を用いて多点探索を行う。このことから、システムパラメータによって生成される目的関数空間が多峰性を有していても、大域的最適システムパラメータが得られやすいという長所を持つ。また、システムパラメータが2進数などの量子化された形式でコーディングされるため、GAはトラス構造物の解析において現われる離散の変数を扱う上で有利なアルゴリズムである。

GAのトラス構造物の最適化問題への応用としては、まず、Goldberg and Samtani による10部材トラスの断面積決定問題<sup>2)</sup>が挙げられる。また、杉本<sup>3)</sup>や坂本<sup>4)</sup>ならびに尾田<sup>5)</sup>による研究がある。杉本<sup>3)</sup>は、規格部材を用いたトラス構造物の最適設計問題を扱っている。さらに、杉本<sup>4)</sup>によって、離散的構造最適設計にGAを適用する上での信頼性向上に関する研究がなされ、生長オペレータと呼ばれる新たなオペレータの導入が提案されている。また、坂本<sup>4)</sup>は、位相変化を伴うトラス構造の最小重量設計問題を扱い、尾田<sup>5)</sup>は、ホモロガス変形を与える部材断面積決定問題に適用している。

GAが生物進化にヒントを得たアルゴリズムであるのに対して、生体の免疫システムにヒントを得た最適化アルゴリズムとして、Bersini and Valera によって、IRM (Immune Recruitment Mechanism)およびIRMとGAとを組み合わせたGIRM(Genetic Immune Recruitment Mechanism)が提案されている<sup>7)</sup>。これらのアルゴリズムは、抗体同士の親和性による選択機構に注目したものであり、IRMは、多次元実数空間を探索空間とし、一方、GIRMは、2進数で量子化された空間を探索空間としている。GIRMの特長としては、IRM同様、抗体の親和性による選択機構を用いていることによって探索方向が規定されることおよびGAの特長である突然変異および交叉によって遺伝的多様性が維持されることがあげられる。

本論文では、まず、GIRMについて簡単に紹介する。次に、工学問題への具体的な適用例として、GIRMをトラス構造物の最小重量(質量)を与える最適設計問題に適用し、その有効性を確認すると共に、単純GAによる最適解探索結果と比較する。なお、トラス構造物は、節点ならびに垂直および水平部材の配置があらかじめ決められているものとし、設計対象は、構造物を安定させるための斜材の決定および部材の断面積である。なお、制約条件として、引張および圧縮許容応力に基づく全応力制約および圧縮力を受ける部材に対しての座屈制約を用いるものとする。

## 2. GIRMの概略

GIRMは、IRMに、大域的最適解探索性能に優れたGAを取り入れたものである。IRMは、次のような免疫ネットワークの考え方に基礎を置いている。免疫系は、身体の中に侵入した細菌やウィルスを排除する機能を持っている。体内に侵入したウィルスなどは、好虫球、マクロファージの攻撃を受ける。マクロファージは、攻撃すると同時に侵入した敵の情報をリンパ節に送る。リンパ節で待ち構えるB細胞やT細胞は抗原レセプターを持ち、特定の抗原(抗原分子の特定の抗原決定基)とのみ選択的に結合する性質がある。

IRMが実数によってコーディングされていたのに対して、GIRMでは2進数によってコーディングされる。

以下に、GIRMの手続きについて述べる。

1)  $N_p$ 個からなる初期集団をランダムに発生させる。初期集団は、 $L$ ビットの2進数でコーディングされるものとする。

2) 1)で生成したベクトルを用いて目的関数値を求める。さらに、適応度 $f$ について降順に並べ換え、上位 $N_b$ 個を用いて、次式から、しきい値 $T$ を計算する。

$$T = \frac{1}{N_b} \sum_{i=1}^{N_b} f_i \quad (1)$$

3) 新たな候補点 $\vec{x}^k$ を、多個体間交叉および突然変異によって生成する。ここで、多個体間交叉とは、通常の交叉が2個体間で行われるのに対して、親として3個体以上を選択して交叉を行い、どの個体から遺伝子を持ってくるかということも乱数を用いて決定する。この操作によって、遺伝的多様性を維持することができる。

4) 候補点 $\vec{x}^k$ と既存の点 $\vec{x}^j$ との間の親和性を求めるための点の数を $N_p (> N_b)$ として、候補点が採用されるための条件として、次の親和性条件を定める。

$$\frac{\sum_{i=1}^{N_p} m(\vec{x}^i, \vec{x}^k) f_i}{\sum_{i=1}^{N_p} m(\vec{x}^i, \vec{x}^h)} \geq T \quad (2)$$

ここで、 $m(\cdot)$ は、 $0 < m(\cdot) < 1$ の範囲の実数値をとる関数であり、親和性関数と呼ばれる。 $m(\cdot)$ として、2点間の距離が増加するにしたがって、関数値が減少するような関数を用いる。Bersiniら<sup>7)</sup>は、親和性関数として、次式で定義される関数を用いている。

$$m(\vec{x}^i, \vec{x}^h) = 1 - dh(\vec{x}^i, \vec{x}^h) / L \quad (3)$$

ここで、 $L$ は量子化された2進数列のビット数であり、

$dh(\cdot)$ はハミング距離である。ハミング距離とは、ビット数が等しい二つのビット列に関して、それらを桁ごとに比較したとき、対応する符号が一致しないものの個数をいう。すなわち、ハミング距離 $dh(\cdot)$ は次式で定義される。 $u$ および $v$ を、それぞれ、 $n$ ビットのビット列とすると、

$$dh(u, v) = \sum_{i=1}^n |u_i - v_i| \quad (4)$$

ここで、 $u_i$ および $v_i$ は共に $i$ ビットの目の符号である。たとえば、符号 $(01011100)$ と $(11011111)$ とのハミング距離は3である。

その他の親和性関数として、ガウス分布の基底関数や2次関数などが考えられる。なお、この条件は位置テストとよばれている。

5) 2)から4)の範囲を $N_g$ 回繰り返す。これを1世代とし、収束条件が満足されるまで繰り返す。

Bersiniら<sup>7)</sup>によると、多次元空間での収束性はよくないため、進化の方向に関する情報を与えることによって探索性能を改善している。この手順は次のようなものである。

いま、すべての採用点 $\vec{x}^k$ は、それぞれ、 $N_g$ 個の親和性の方向を持っているものとする。このベクトルは、正規化されたベクトルであり、親和性方向ベクトルと呼ばれる。これを $\vec{N}_k(j)$  ( $j=1, 2, \dots, N_g$ )で表す。点 $\vec{x}^k$ が採用される条件として、次式を定める。

$$\frac{\sum_{i=1}^{N_g} md(\vec{x}^i, \vec{x}^k) f_i}{\sum_{i=1}^{N_g} md(\vec{x}^i, \vec{x}^h)} \geq T \quad (5)$$

ここで、 $md(\cdot)$ は方向親和性とよばれ、次式で定義される。

$$md(\vec{x}^i, \vec{x}^k) = \max(\vec{x}_k, \vec{N}_i(j)) \quad (6)$$

ここで、 $\vec{x}_k$ は、既存の点 $\vec{x}^i$ と候補点 $\vec{x}^k$ とを結ぶベクトル(ここでは、相対位置ベクトルとよぶ)であり、このベクトルも正規化されているものとする。式(6)は、相対位置ベクトルと既存点の持つ親和性方向ベクトルとの内積のうちの最大値を方向親和性 $md(\cdot)$ として採用することを示している。

この条件によって採用された点の親和性方向ベクトルのうちの一つは、既存点のそれに依存する形で次式から決定される。

$$\vec{N}_k(1) = \sum_{i=1}^{N_g} m(\vec{x}^i, \vec{x}^k) \vec{N}_i(\max-j) \quad (7)$$

ここで、 $\vec{N}_i(\max-j)$ は、式(6)で方向親和性を計算するために採用された親和性方向ベクトルであり、 $\max-j$ は、

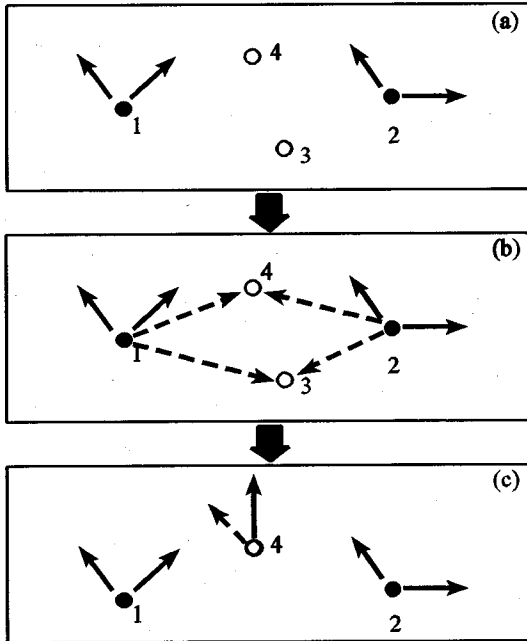


図-1 方向テストの概念

そのベクトルのインデックスを表している。残りの  $N_f-1$ 個のベクトルは、ランダムに与えられる。  $N_f-1$ 個のベクトルがランダムに決められるのは、次の探索のために都合のよい方向を保つと同時に探索点が動かない場合のためにある程度のランダム性を保つためである。なお、この条件は方向テストとよばれ、位置テストと合わせて候補点の選択に用いられる。

方向テストのメカニズムは次のようなものである。簡単のために、図-1に示すような二次元空間に、4個の点があるものとする。このうち、#1および#2は既存の点であり、これらの点はそれぞれ二つの親和性方向ベクトルを持っているものとする。#3および#4は新たに生成された候補点のうち、位置テストを満足した候補点であるが、親和性方向ベクトルは定義されていない(図-1(a))。方向テストでは、各候補点と既存点との間の相対位置ベクトルを求め(図-1(b))、式(6)によって方向親和性を計算し、さらに式(5)を満足しているかどうかを調べる。#4の候補点が式(5)を満たしたとすれば、この点は採用され、式(7)によって、#4の親和性方向ベクトルのうち一つが決定され、残りの一つはランダムに決められる。条件が満足されなかった点#3は候補から外されることになる(図-1(c))。

本アルゴリズムで用いられる位置テストおよび方向テストは、GAの選択操作に相当し、B細胞やT細胞の抗原レセプターが、特定の抗原と選択的に結合することをモデル化している。

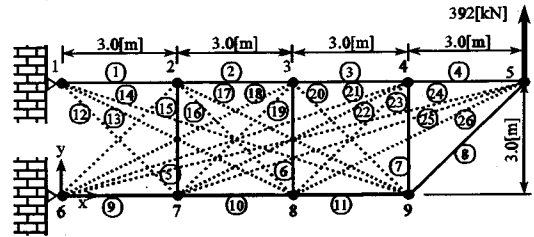


図-2 解析モデル

### 3. トラス構造物の斜材配置による最小重量設計

前章で述べたGIRMの適用例として、トラス構造物の斜材配置による最小重量設計に応用する。

いま、図-2に示す9節点からなる簡単なトラス構造物を考える。この構造物は、部材数が少ないため、すべての部材の組合せについて調べても計算上の負担は大きくない。しかし、本論文では、GIRMの能力を調べるという観点から、このような構造をとりあげる。最適設計を行う上での条件は、次の通りである。

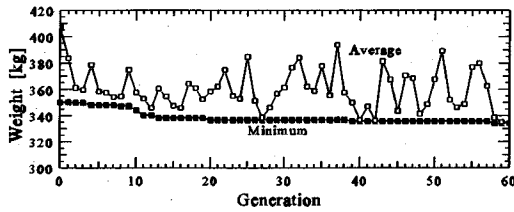
- 1) 9個の節点はピン結合されている。
- 2) すべての水平および垂直部材はあらかじめ設定されている。
- 3) 節点5と9とを結ぶ斜材も設定されている。
- 4) 荷重は節点5に垂直向上きに作用する。

図-2には、固定部材(実線)と選択可能な斜材(破線)が示されている。部材#1から#11が固定部材であり、部材#12から#26が選択可能な斜材である。これらの選択可能な15の斜材の中からいくつかの斜材を選択して構造物の重量が最小になる構造を構成する。ただし、不安定な部材の組み合わせを排除しなければならない。このトラスの場合、三つの四角形のベイに1本ずつ斜材を入れることによって安定な構造にすることができる。したがって、採用する斜材の数は3以上15以下である。

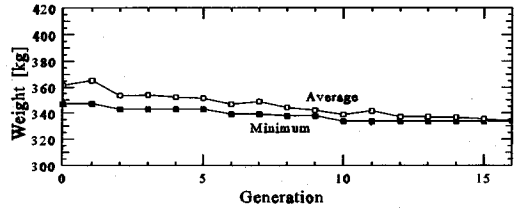
最小重量設計に際して、各部材の断面積を1)全応力制約および2)座屈制約に基づき決定した。各部材の断面形状は、円形であるものとし、断面積は部材の軸方向に一定である。また、部材の材質はアルミニウム(密度:  $\rho=2.800 \times 10^3$  [kg/m<sup>3</sup>], 許容応力:  $\sigma_s=250.0$  [MPa], ヤング率:  $E=75.2$  [GPa])である。座標系として、節点#6を原点とした座標系を設定する。

この最小重量設計問題を定式化すると、

$$\text{find } DM = (dm_1, \dots, dm_{15}) \quad (dm_i=0,1)$$



(a) GAの探索過程



(b) GIRMの探索過程

図-3 GAとGIRMの探索過程の比較(全応力制約)

such that  $W = \sum_{j=1}^{11+n} \rho A_j L_j - \min$

(a)全応力制約

subject to  $|\sigma_j| \leq \sigma_a \quad (j=1,2,\dots,11+n)$

(b)座屈制約

subject to  $\sigma_j \leq \sigma_a \quad (j=1,2,\dots,11+n) (P_j \geq 0)$

$$A_j \geq \sqrt{-4P_j L_j^2 / \pi E} \quad (j=1,2,\dots,11+n) (P_j \leq 0)$$

ここで、 $DM$ はトラスの斜材の有無を表す15次元ベクトルであり、その成分は0または1の数値をとるものとし、 $dm_i=1$ のとき、図-2の斜材の中の $i+11$ 番目の部材が存在し、 $dm_i=0$ のときは、その部材が存在しないものとする。また、 $W$ はトラスの総重量、 $\rho$ は材料の密度、 $\sigma_a$ は許容応力、 $E$ は部材のヤング率、 $A_j$ 、 $L_j$ 、 $\sigma_j$ および $P_j$ は、それぞれ、部材 $j$ の断面積、長さ、応力および軸力である。なお、座屈制約の場合、圧縮荷重を受ける部材については、座屈および全応力制約の両方に基づいて断面積を計算し、大きい方の断面積値を採用するものとする。

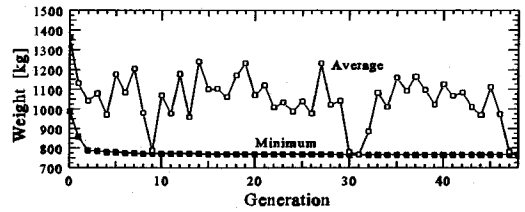
GIRMおよびGAの適用に際し、上に述べたベクトル $DM$ を染色体に選んだ。また、GIRMにおいては、親和性方向ベクトルは一つの成分からなるものとし、大きさと角度を与えた。その他のパラメータとして、次のような値を与えた。

#### GIRM

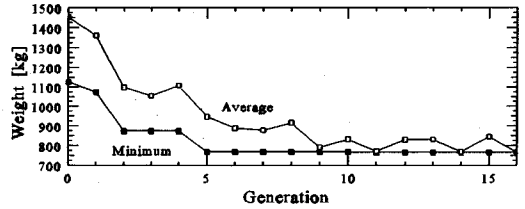
人口=10,突然変異率=1%, $N_b=8$ , $N_p=8$ , $N_n=10$

#### GA

人口=20,突然変異率=1%,交叉率=50%,選択率=60%



(a) GAの探索過程



(b) GIRMの探索過程

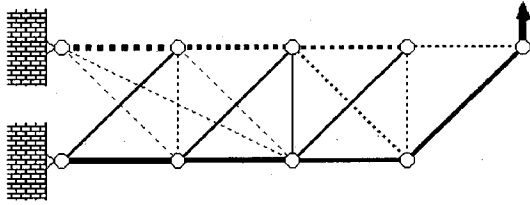
図-4 GAとGIRMの探索過程の比較(座屈制約)

なお、これらのパラメータ値の設定においては、十分な予備計算を行い、その結果の範囲内で最良の値を選択した。

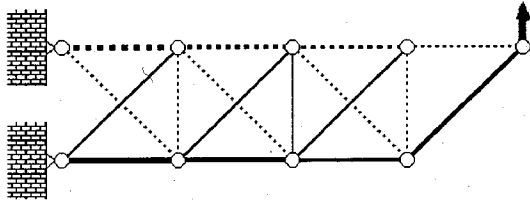
この問題では、次の点に注意する必要がある。まず、1)突然変異や交叉(GIRMでは、多個体間交叉)によって生まれた子の染色体によるトラス構造が斜材を3部材以上持たない場合がある。また、2)3部材以上持つ場合でも、トラス構造物として安定でない場合がある。この場合、全体剛性マトリックスは特異または擬特異になる。

上に述べた場合の対応策として、本解析では、1)の場合、斜材を3部材以上持つ子が生まれるまで突然変異などの操作を繰り返す。2)の場合、このような安定でないトラス構造物が生じた場合、部材断面積に大きな値を与え、重量を重くしている。これによって、斜材を3部材以上有し、かつ、トラスとして安定でないものは自然淘汰されることになる。

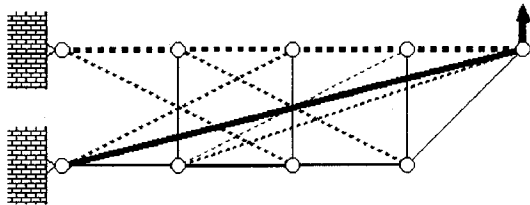
図-3および図-4に、全応力制約および座屈制約の場合の最適解探索過程を、それぞれ、示す。図-3(a)は、GAの場合であり、図-3(b)は、GIRMの場合である。これらの図から、GIRMの最適解探索過程における平均値の変動は、GAのそれに比べて、非常に小さいことがわかる。また、最適解に到達するまでの繰り返し回数は、GAが60世代を要したのに対し、GIRMは16世代目で探索を終了している。座屈制約の場合も、図-4(a)および(b)から、GIRMの最適解探索過程における平均値の変動は、GAのそれに比べて、非常に小さいことがわかる。また、最適解に到達するまでの繰り返し回数は、GAが48世代を要したのに対し、GIRMは



(a) 探索結果(GA/GIRM)

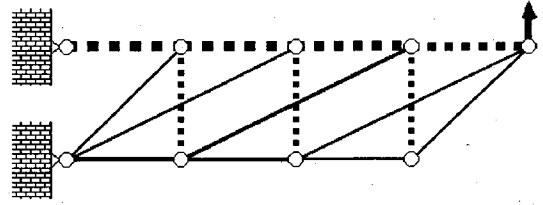


(b) 最小重量を持つ構造

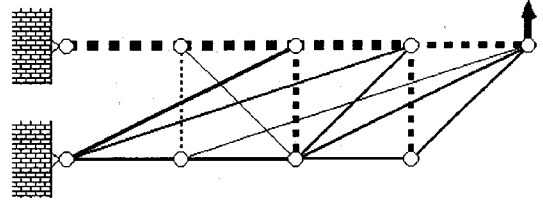


(c) 最大重量を持つ構造

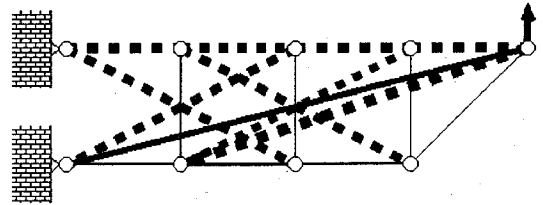
図-5 探索結果と最小および最大重量構造 (全応力制約)



(a) 探索結果(GA/GIRM)



(b) 最小重量を持つ構造



(c) 最大重量を持つ構造

図-6 探索結果と最小重量および最大重量構造 (座屈制約)

16世代目で探索を終了していることがわかる。GIRMによる計算時間は、全応力制約の場合、GAの約55.8%であり、座屈制約の場合、76.9%であった。

GAの最適解探索過程において平均値の変動が大きい原因は、GAが基本的にランダム探索法の一つであり、広範囲にわたって探索を行っているためであり、これによって、3部材以上の斜材を持つ構造でもトラスとして不安定な構造が生ずるためである。一方、GIRMの場合は、方向テストによって探索方向が定められるため、平均値はGAに比べて安定している。

GIRMによる探索結果とGAによるそれは一致した。得られたトラスの部材構成を図-5および図-6に示す。図-5は全応力制約の場合であり、図-6は座屈制約の場合である。これらの図では、引張荷重が作用する部材を実線で表し、圧縮荷重が作用する部材を破線で表している。また、部材の太さを線の太さで表示している。なお、図-5(a)および図-6(a)は、探索結果であり、図-5(b)および図-6(b)は、最小重量(質量)となる部材構成、図-5(c)および図-6(c)は、最大重量(質量)となる部材構成を示している。なお、最小重量および最大重量となる部材構成は、すべての組み合わせを調べることによって得られた。重量を表-1にま

表-1 探索結果と最小および最大重量

	GIRM/GA Result [kg]	Minimum Weight [kg]	Maximum Weight [kg]
Full Stress	334.1(0.589)	329.3(0.581)	567.0(1.0)
Buckling	766.2(0.328)	753.1(0.322)	2335.3(1.0)

とめて示す。表-1で、括弧内の数値は、最大重量に対する比を表している。

図-5(a)から、全応力制約の場合、選択された斜材は、引張荷重が作用する部材だけでなく、圧縮荷重が作用する部材も選択されていることがわかる。しかし、図-6(a)から、座屈制約の場合、選択された斜材には、引張荷重のみが作用していることがわかる。全応力設計の場合は、引張および圧縮許容応力が同じであるため、部材に作用する軸力が引張荷重であるか圧縮荷重であるかということとは無関係に、単に重量が最小である部材構成が選択されている。しかし、座屈制約を設けた場合、圧縮荷重を受ける部材の断面積が極端に大きくなるため、斜材として選択される部材はすべて引張荷重を受けるものになっている。

全応力制約の場合、図-5(a)と図-5(b)との比較か

ら、探索結果(図-5(a))は節点1と8とを結ぶ部材が選択されているだけの違いであるのに対して、座屈制約の場合、探索結果(図-6(a))は最小重量となる部材構成(図-6(b))とかなり異なっており、正解に達していない。本論文で扱った例題は全ての組合せを調べることによって最適解が容易に得られる問題であり、この点から見れば、GIRMなどのよる探索結果は不十分であるかも知れない。しかし、一般的な問題では、最適解が容易には得られず、GAなどの解を準最適解と見なすことが多い。表-1からわかるように、得られた結果は、最小値に対してわずかの差しかなく、ほとんど最適解が得られたとしても差し支えないように思われる。特に、座屈制約の場合、最小重量を与える部材構成(図-6(b))よりも実現可能な構成になっているように思われる。

#### 4. 結言

本論文では、まず、GIRMについて簡単に紹介し、GIRMの具体的な適用例として、トラス構造物の最小重量設計問題に適用し、その有効性を確認すると共に、単純GAによる最適解探索結果との比較を行なった。

解析例として、図-2に示したトラス構造物の斜材選択による最小重量設計に適用した。構造物は各節点の位置、水平・垂直部材および一本の斜材がすでに設定されているものとした。

GIRMとGAはアルゴリズムそのものが違うことから、単純な比較はできないが、結果として、次のようなことがわかった。

解析例に挙げたすべての問題について、

1) 設定した各パラメータに対するGIRMとGAの探索結果は、一致したが、いずれも最小重量解を見い出すには至らなかった。しかし、得られた結果は、準最適

解であると考えられる。

2) GIRMは、位置テストおよび方向テストのために、単純GAに比較して計算量が多くなるにもかかわらず、一世代あたりの人口数が少なくできるため、計算時間も短く、効率的に(準)最適解を見いだすことできる。

3) 単純GAによる解析においては、目的関数の平均値は世代毎に激しく変動しているが、GIRMにおいては、平均値の変動は全くないかあるいは非常に小さい。これは、方向テストによって、解の探索方向が常に制御されていると同時に、GAの効果によってある程度のランダム性が保たれているためである。

謝辞：本研究は、(財)シマノ・サイクル開発センターの平成5年度の研究助成に関連して行われたものであり、ここに謝意を表します。

#### 参考文献

- 1) Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, ADDISON-WESLEY PUB.Co.,Inc., 1989.
- 2) 文献1)のpp.136-137
- 3) 杉本博之: GAの工業設計への応用に向けて, 数理科学, No. 353, pp.45-50, 1992.
- 4) 杉本博之, 鹿 沛麗, 山本洋敬: 離散的構造最適設計のためのGAの信頼性向上に関する研究, 土木学会論文集, No.471.I-24, pp.67-76, 1993.
- 5) 坂本二郎, 尾田十八: 遺伝的アルゴリズムを利用した最適トラス形態決定法, 日本機械学会論文集A編, 59巻562号, pp. 1568-1573, 1993.
- 6) 尾田十八, 松本徳之, 王 安麟: GAによるホモロガス構造の創成法, 日本機械学会論文集A編, 59巻562号, pp.3056-3061, 1993.
- 7) Bersini, H. and Varela, F.J.: The Immune Recruitment Mechanism: A Selective Evolutionary Strategy, *Proc. of 4th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, ed. by Belew, R.K. and Booker, L.B., Morgan Kaufmann Pub. pp.520-526, 1991.

(1995. 8. 25 受付)

## OPTIMUM MEMBER LOCATION DESIGN OF TRUSS BY GENETIC IMMUNE RECRUITMENT MECHANISM

Ryohei ISHIDA, Tetsuji SATO and Yoshihiko SUGIYAMA

The present paper describes an application of Genetic Immune Recruitment Mechanism (GIRM) which is a combinatorial algorithm of Genetic Algorithm (GA) and Immune Recruitment Mechanism (IRM) founded upon the immune network model. The GIRM is applied to optimum design problem of truss structure. As an optimization problem, diagonal member location design of truss structure with minimized weight is examined. Location of nodal points and major members, which are the upper and lower chords and the vertical members, are fixed. The problem is also solved by simple GA. From comparison of GIRM and the simple GA, effectiveness of the GIRM is shown.